

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

APPLICANT: SEUNG-HAK CHOI, ET AL.)
)
FOR: SERVER-CLIENT NETWORK SYSTEM FOR)
 GENOTYPING ANALYSIS AND COMPUTER)
 READABLE MEDIUM THEREFOR)

CLAIM FOR PRIORITY

Mail Stop Patent Application
Commissioner for Patents
P.O. Box 1450
Alexandria, VA 22313-1450

Dear Commissioner:

Enclosed herewith is a certified copy of Korean Patent Application No. 2003-0005199 filed on January 27, 2003. The enclosed Application is directed to the invention disclosed and claimed in the above-identified application.

Applicants hereby claim the benefit of the filing date of January 27, 2003, of the Korean Patent Application No. 2003-0005199, under provisions of 35 U.S.C. 119 and the International Convention for the protection of Industrial Property.

Respectfully submitted,

CANTOR COLBURN LLP

By:


Soonja Bae

Reg. No. (See Attached)

Cantor Colburn LLP

55 Griffin Road South

Bloomfield, CT 06002

PTO Customer No. 23413

Telephone: (860) 286-2929

Fax: (860) 286-0115

Date: January 26, 2004



별첨 사본은 아래 출원의 원본과 동일함을 증명함.

This is to certify that the following application annexed hereto
is a true copy from the records of the Korean Intellectual
Property Office.

출 원 번 호 : 10-2003-0005199
Application Number

출 원 년 월 일 : 2003년 01월 27일
Date of Application JAN 27, 2003

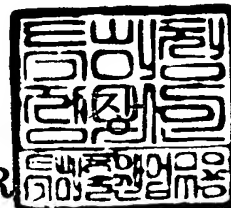
출 원 인 : 삼성전자주식회사
Applicant(s) SAMSUNG ELECTRONICS CO., LTD.



2003 년 02 월 07 일

특 허 청

COMMISSIONER





【서지사항】

【서류명】	특허출원서
【권리구분】	특허
【수신처】	특허청장
【참조번호】	0012
【제출일자】	2003.01.27
【발명의 명칭】	유전자형 판별 분석을 위한 서버-클라이언트 네트워크 시스템 및 이에 사용되는 기록 매체
【발명의 영문명칭】	Server-client network system for genotyping analysis and computer readable medium used therein
【출원인】	
【명칭】	삼성전자 주식회사
【출원인코드】	1-1998-104271-3
【대리인】	
【성명】	이영필
【대리인코드】	9-1998-000334-6
【포괄위임등록번호】	2003-003435-0
【대리인】	
【성명】	이해영
【대리인코드】	9-1999-000227-4
【포괄위임등록번호】	2003-003436-7
【발명자】	
【성명의 국문표기】	최승학
【성명의 영문표기】	CHOI, Seung Hak
【주민등록번호】	620208-1149514
【우편번호】	463-510
【주소】	경기도 성남시 분당구 미금동 까치마을 롯데아파트 405동 1203호
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	남윤순
【성명의 영문표기】	NAM, Yun Sun
【주민등록번호】	630215-2019116

【우편번호】	137-797
【주소】	서울특별시 서초구 잠원동 신반포한신아파트 105동 111호
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	권태준
【성명의 영문표기】	KWON,Tae Joon
【주민등록번호】	750512-1000311
【우편번호】	135-110
【주소】	서울특별시 강남구 압구정동 현대아파트 92동 205호
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	정태수
【성명의 영문표기】	JEONG,Tae Soo
【주민등록번호】	660415-1063412
【우편번호】	120-786
【주소】	서울특별시 서대문구 홍제4동 청구아파트 109동 307호
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	이권무
【성명의 영문표기】	LEE,Kwon Moo
【주민등록번호】	720615-1249135
【우편번호】	442-706
【주소】	경기도 수원시 팔달구 망포동 동수원엘지빌리지 2차 208동 1604호
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	이호승
【성명의 영문표기】	LEE,Ho Seung
【주민등록번호】	630102-1009429
【우편번호】	463-010
【주소】	경기도 성남시 분당구 정자동 90 느티마을 410동 1503호
【국적】	KR
【심사청구】	청구

【취지】

특허법 제42조의 규정에 의한 출원, 특허법 제60조의 규정에 의한 출원심사를 청구합니다. 대리인

이영필 (인) 대리인

이해영 (인)

【수수료】

【기본출원료】 20 면 29,000 원

【가산출원료】 3 면 3,000 원

【우선권주장료】 0 건 0 원

【심사청구료】 9 항 397,000 원

【합계】 429,000 원

【첨부서류】

1. 요약서·명세서(도면)_1통

【요약서】**【요약】**

유전자형 판별 분석을 위한 서버-클라이언트 네트워크 시스템 및 이에 사용되는 기록 매체가 제공된다. 본 발명에 따른 타겟 샘플에 대한 유전자형 판별 분석을 위한 서버-클라이언트 네트워크 시스템은 유전자형 판별 분석에 필요한 데이터 베이스들을 포함하여 이 데이터 베이스들을 클라이언트에 제공하는 서버와, 타겟 샘플에 대한 바이오칩의 테스트 결과를 입력받고, 서버로부터 데이터 베이스들을 제공받아 타겟 샘플에 대한 유전자형 판별 분석을 하는 클라이언트를 포함한다.

본 발명에 따른 서버-클라이언트 시스템에서는 개인 정보를 보호할 수 있고, 판별 분석을 위한 소프트웨어의 독립성이 최대한 보장될 수 있다.

【대표도】

도 2

【색인어】

서버, 클라이언트, 네트워크, 유전자형 판별 분석

【명세서】**【발명의 명칭】**

유전자형 판별 분석을 위한 서버-클라이언트 네트워크 시스템 및 이에 사용되는 기록 매체{Server-client network system for genotyping analysis and computer readable medium used therein}

【도면의 간단한 설명】

도 1은 본 발명에 따른 서버-클라이언트 네트워크 시스템의 개략도이다.

도 2는 본 발명에 따른 서버-클라이언트 네트워크 시스템을 구성하는 서버와 클라이언트의 블록도이다.

도 3은 서버에 저장되는 바이오 칩 ID 및 레이아웃 DB의 일 실시예를 나타낸다.

도 4는 서버에 저장되는 판별 알고리즘 DB의 일 실시예를 나타낸다.

도 5는 서버에 저장되는 품질 관리 기준 DB의 일 실시예를 나타낸다.

도 6은 클라이언트 엔진에서 유전자형을 판별 분석하는 흐름도를 나타낸다.

도 7은 도 6의 판별 분석 단계의 보다 상세한 흐름도를 나타낸다.

【발명의 상세한 설명】**【발명의 목적】****【발명이 속하는 기술분야 및 그 분야의 종래기술】**

<8> 본 발명은 유전자형 판별 분석을 위한 서버-클라이언트 네트워크 시스템 및 이 시스템에 사용되는 컴퓨터 기록 매체에 관한 것이다.

- <9> 의료기술이 발전하고 건강에 대한 관심이 높아짐에 따라 예방, 진단, 진료, 간호, 관리 등의 헬스케어(healthcare) 기능을 인터넷을 통해 유기적으로 연계하고자 하는 e-헬스케어 시스템이 등장하고 있다. 병원 등의 특정 지점에서 이미 질병이 발생한 환자의 사후 치료를 중심으로 헬스케어가 일어나는 종래의 단독 케어(island care)에서 각 환자의 집에서 진단 및 치료를 하거나 질병의 발생 전에 예방하고자 하는 사용자의 집을 중심으로 헬스케어가 네트워크를 통해 유기적으로 진행되는 건강 관리(wellness management)의 개념으로 헬스케어의 개념이 변화되고 있다.
- <10> 특히, 최근 들어 바이오 칩 기술이 급속도로 발전하면서 유전자형 분석 및 진단에 근거한 e-헬스케어 개념이 도입되기 시작했다. 국제특허공개공보 WO 01/16860 호에 이와 같은 새로운 e-헬스케어 개념이 개시되어 있다.
- <11> 그러나, 국제특허공개공보 WO 01/16860 호에서는 유전자형 판별 분석이 전적으로 서버 상에서만 이루어진다. 그런데, 개인의 유전자형 판별 분석이 전적으로 서버에서만 이루어지면 개인정보 보호에 취약하게 된다. 즉, 바이오 칩 테스트 결과가 서버의 데이터베이스에 기록된 후 서버에서 그 테스트 정보를 제공하는 경우 개인정보가 노출될 위험이 크다.
- <12> 국제특허공개공보 WO 01/16860 호와 반대로 유전자형 판별 분석이 클라이언트에서만 이루어지도록 하면, 바이오 칩이 출시될 때마다 반드시 사용자 소프트웨어를 함께 제공해야 한다. 다시 말하면 플랫폼(platform)이 동일하여도 내용(contents)이 다르면 완전히 별도의 바이오 칩으로 간주되어 별도의 사용자용

분석 소프트웨어를 제공해야 한다. 이에 따라 여러 분석 소프트웨어가 존재하므로 버전(version) 관리가 복잡하다. 그리고 지속적인 업그레이드시 소프트웨어를 다시 제공해야 한다. 테스트 데이터가 축적됨에 따라 알고리즘 혹은 모수(parameter)를 변경하여 유전자형 판별의 정확도를 향상시킬 수 있으나 이 때마다 전체 소프트웨어를 다시 제공해야 하는 불편함이 수반된다.

- <13> 따라서, 바이오 칩을 이용한 e-헬스케어가 가능하면서도 개인 정보를 보호할 수 있고, 판별분석을 위한 소프트웨어의 독립성이 최대한 보장될 수 있는 새로운 서버-클라이언트 네트워크 시스템이 요청된다.

【발명이 이루고자 하는 기술적 과제】

- <14> 본 발명이 이루고자 하는 기술적 과제는 개인 정보를 보호할 수 있고, 판별분석을 위한 소프트웨어의 독립성이 최대한 보장될 수 있는 서버-클라이언트 네트워크 시스템을 제공하고자 하는 것이다.

- <15> 본 발명이 이루고자 하는 다른 기술적 과제는 상기 서버-클라이언트 네트워크 시스템에 적합한 클라이언트 기록 매체를 제공하고자 하는 것이다.

【발명의 구성 및 작용】

- <16> 상기 기술적 과제를 달성하기 위한 본 발명에 따른 서버-클라이언트 네트워크 시스템은 유전자형 판별 분석에 필요한 데이터 베이스들을 포함하여 상기 데이터 베이스들을 상기 클라이언트에 제공하는 서버와, 타겟 샘플에 대한 바이오 칩의 테스트 결과를 입력받고, 상기 서버로부터 상기 데이터 베이스들을 제공받아 상기 타겟 샘플에 대한 유전자형 판별 분석을 수행하는 클라이언트를 포함한다.

- <17> 바람직하기로는 상기 데이터 베이스들은 상기 바이오 칩의 식별자 및 레이아웃 데이터 베이스, 상기 유전자형 판별 분석에 필요한 알고리즘 데이터 베이스, 및 품질 관리 기준 데이터 베이스를 포함한다.
- <18> 상기 다른 기술적 과제를 달성하기 위한 본 발명에 따른 서버-클라이언트 네트워크 시스템을 구성하는 클라이언트 기록 매체는 유전자형 판별 분석에 필요한 논리적인 단계들을 수행하기 위한 컴퓨터 실행 명령을 포함한다.
- <19> 기타 실시예들의 구체적인 사항들은 상세한 설명 및 도면들에 포함되어 있다.
- <20> 이하 첨부한 도면을 참조하여 본 발명에 따른 서버-클라이언트 네트워크 시스템 및 이에 사용되는 기록 매체에 관한 실시예들을 설명한다. 그러나 본 발명은 이하에서 개시되는 실시예들에 한정되는 것이 아니라 서로 다른 다양한 형태로 구현될 것이며, 단지 본 실시예들은 본 발명의 개시가 완전하도록 하며, 통상의 지식을 가진 자에게 발명의 범주를 완전하게 알려주기 위해 제공되는 것이며, 본 발명은 청구항의 범주에 의해 정의될 뿐이다. 명세서 전체에 걸쳐 동일 참조 부호는 동일 부재를 지칭한다.
- <21> 이하 본 명세서에서 바이오 칩은 DNA 칩, 단백질(proteomics) 칩 등 프로브들이 마이크로어레이화되어 있는 칩을 모두 포괄하는 용어로 사용한다. DNA 칩은 다량의 핵산 프로브를 마이크로어레이화한 것을 지칭한다. 핵산(nucleic acid)은 시토신(C), 티민(T), 우라실(U), 아데닌(A) 및 구아닌(G) 등의 피리미딘 및 퓨린을 포함하는 뉴클레오타이드 또는 뉴클레오타이드의 폴리머 또는 올리고머(폴리뉴클레오타이드 또는 올리고뉴클레오타이드)를 지칭한다. 그 종류로는 최소 500bp 이상의 프로브를 사용하는 cDNA 칩 및 9~25mer의 올리고뉴클레오타이드(oligonucleotide)를 프로브로 사용하는 올리고뉴클레

오타이드 칩을 들 수 있다. 단백질 칩은 수십 내지 수백 종류의 단백질 또는 리간드 프로브들이 마이크로어레이화한 것을 지칭한다.

<22> 본 명세서에서 사용하는 "타겟 샘플(target sample)"은 유전자형을 알고자 하는 핵산(RNA 또는 DNA의 올리고뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드) 또는 그 기능 또는 역할을 파악하고자 하는 단백질을 지칭한다. 그리고 "프로브"란 타겟 샘플을 검출하기 위한 물질을 지칭한다.

<23> 본 발명에 따른 서버-클라이언트 시스템에 따르면 유전자형 판별 분석에 필요한 데이터 베이스(이하 DB)들, 예컨대, 바이오 칩의 식별자(이하 ID) 및 레이아웃 DB, 유전자형 판별 분석에 필요한 알고리즘 DB, 품질 관리(quality control, 이하 QC) 기준 DB 등이 서버에서 제공되고, 서버로부터 제공된 DB들을 사용하여 클라이언트에서 타겟 샘플 테스트 결과를 판별 분석하고 그 테스트 결과는 클라이언트에 저장된다.

<24> 본 발명에 따른 서버-클라이언트 시스템의 개략도인 도 1을 참조하면, 서버(101)와 클라이언트(301)는 네트워크(201)를 통해 서로 연결되어 필요한 정보를 일방향으로 또는 쌍방향으로 주고 받으며 커뮤니케이션(communication)할 수 있다. 네트워크(201)는 인터넷(Internet)과 같은 광대역 네트워크(wide area network)(WAN)일 수도 있고, 이더넷(Ethernet)과 같은 국지 네트워크(local area network)(LAN)일 수도 있다.

<25> 바이오 칩(401)이 생산되면 해당 바이오 칩의 ID 및 레이아웃 DB(403)가 서버(101)에 저장된다. 또, 환자 및 대조군 샘플을 사용하여 바이오 칩(401)에 대하여 테스트를 실시하여 테스트 결과로부터 통계 데이터를 모아서 유전자형 판별 분석 알고리즘 DB(404) 및 QC 기준 DB(405)를 확보하여 이를 서버(101)에 저장한다.

- <26> 클라이언트(301)는 타겟 샘플과 바이오 칩을 혼성화시켜 얻어진 테스트 결과(302)를 입력하기 위한 광학적 스캐닝 시스템(351)과 바이오 칩의 ID를 입력하기 위한 ID 인식 장치(361)와 연결되어 있다.
- <27> 따라서, 클라이언트(301)는 광학적 스캐닝 시스템(351) 및 ID 인식 장치(361)를 통해 입력되는 타겟 샘플 테스트 결과와 바이오 칩의 ID를 사용하여 유전자형을 판별 분석한다. 클라이언트(301)는 서버(101)로부터 제공받은 바이오 칩 ID 및 레이아웃 DB(403), 판별 분석 알고리즘 DB(404) 및 QC 기준 DB(405)를 이용하여 실행한다. 필요에 따라서는 서버(101)에 저장되어 있는 DB들(403, 404, 405)의 복제본(mirror)을 클라이언트(301)에 설치하여 이용할 수 있다.
- <28> 최종 판별 분석 결과는 클라이언트(301)에 저장된다. 그리고, 최종 판별 분석 결과는 그래픽 형태의 사용자 인터페이스(graphical user interface: GUI)(550)에 디스플레이되는 것이 바람직하다. GUI는 파일 탐색 윈도우, 판별 결과 리스트 윈도우 및/또는 판별 결과 열람 윈도우 등을 포함하는 것이 바람직하다.
- <29> 도 2는 서버-클라이언트 네트워크 시스템의 블록도이다. 서버(101)와 클라이언트(301)의 커뮤니케이션은 서버(101)에 설치된 커뮤니케이션 매니저 (communication manager)(111)와 클라이언트(301)에 설치된 커뮤니케이션 매니저(311)에 의해 수행된다.
- <30> 서버(101)의 모든 기능은 서버 엔진(121)에 의해 관리된다. 서버 엔진(121)의 관리를 받는 데이터 매니저(131)가 바이오 칩의 ID 및 레이아웃 DB(403), 판별 분석 알고리즘 DB(404) 및 QC 기준 DB(405)를 관리한다. 그리고, 버전 조절 매니저(version control

manager)(141)는 데이터 매니저(131)에 의해 관리되는 DB들(403, 404, 405)의 버전을 관리한다.

<31> 서버(101)에 저장되는 판별 분석 알고리즘 DB(404)와 QC 기준 DB(405)는 환자 및 대조군 샘플과 바이오 칩을 혼성화시켜 얻어진 다수의 테스트 결과(402)로부터 유전자형 판별 분석 및 QC에 필요한 모수(parameter)를 계산하여 구한후 이를 서버(101)에 저장한다. 이때, 판별 분석 알고리즘 및 QC 셋업 처리기(503) 등이 사용될 수 있다. 환자 및 대조군 샘플과 바이오 칩의 테스트 결과를 수득하는 작업과 판별 분석 알고리즘 및 QC 셋업 처리기(503)의 운용은 서버(101)와 동일 컴퓨터에서 이루어질 수도 있고, 도 2에 도시되어 있는 바와 같이 별도의 서버(501)에서 운용될 수도 있다.

<32> 도 3은 서버(101)에 저장되는 바이오 칩 ID 및 레이아웃 DB(403)의 일 실시예를 나타낸다. 도 3을 참조하면, 해당 ID(SM30001.1)를 가지는 칩의 레이아웃 DB는 각 스팟(spot)의 위치에 대한 일련 번호, 어레이상의 블록 번호, 각 프로브의 위치(행, 열), 각 프로브의 종류, 각 프로브에 대응되는 돌연변이 위치 등의 맵핑(mapping) 정보를 포함한다.

<33> 도 4와 도 5는 각각 판별 분석 알고리즘 및 QC 셋업 처리기(503)에 의해 구해진 판별 분석 알고리즘 DB와 QC 기준 DB의 일 실시예들을 나타낸다. 도 4를 참조하면, 판별 분석 알고리즘 DB(404)는 각 돌연변이 위치마다 적용되는 알고리즘의 종류 및 그에 해당되는 모수들을 포함할 수 있다. 도 5를 참조하면, QC 기준(405)은 각 스팟(spot) 지름(diameter) 유효값의 임계치(cutoff value), 스팟 밝기(intensity) 유효값의 임계치 등을 포함할 수 있다.

- <34> 다시 도 2를 참조하면, 클라이언트(301)의 모든 기능은 클라이언트 엔진(321)에 의해 관리된다. 클라이언트 엔진(321)은 광학 스캐닝 시스템(도 1의 351)에 의해 입력된 타겟 샘플과 바이오 칩의 혼성화 결과(302)를 검출 및 전처리(303)하고 ID 인식 장치(도 1의 361)로부터 입력된 바이오 칩의 ID를 검출(305)하여 유전자형을 판별 분석한다.
- <35> 즉, 클라이언트 엔진(321)은 서버(101)로부터 유전자형 판별 분석에 필요한 데이터 베이스들(403, 404, 405)을 제공받는 단계와 데이터 베이스들을 이용하여 타겟 샘플에 대한 바이오 칩의 테스트 결과를 판별 분석하여 타겟 샘플의 유전자형을 판별 분석하는 단계를 포함하는 논리적인 단계들을 수행하기 위한 컴퓨터 실행 명령(computer executable instructions)을 포함하는 기록 매체를 포함한다.
- <36> 클라이언트 엔진(321)에서 수행되는 유전자형 판별 분석 방법을 도 6의 흐름도를 참고하여 보다 자세히 설명한다. 먼저 클라이언트 엔진(321)은 바이오 칩의 ID를 검출한다(600). 이어서 ID에 해당하는 DB들 버전을 선택(602)한 후, DB 위치 모드를 결정한다(603). DB 위치 모드는 로컬 복제 모드와 서버 모드로 구분된다. 서버 모드를 선택한 경우에는 커뮤니케이션 매니저들(도 2의 311, 111) 사이의 커뮤니케이션에 의해 서버(101)에 저장되어 있는 원격(remote) DB들(403, 404, 405)를 이용하여 판별 분석을 실행한다(610).
- <37> 한편, 로컬 복제 모드를 선택한 경우에는 ID에 대응하는 DB들이 존재하는지를 판단한다(604). 대응하는 DB들이 없으면 커뮤니케이션 매니저들(311, 111)을 통해 서버(101)로부터 대응하는 DB들을 다운로드(download)한다(605). DB의 다운로드시에는 DB 복제 매니저(data mirroring manager)(도 2의 331)와 버전 조절 매니저(version control

manager)(도 2의 333)가 이를 관리한다. 마지막으로, 로컬 복제 DB들(도 2의 403M, 404M, 405M)을 이용하여 판별 분석을 실행한다(620).

<38> 판별 분석 단계(610,620)의 보다 상세한 흐름도가 도 7에 도시되어 있다. 먼저, 바이오 칩의 레이아웃 DB를 읽는다.(700). 이어서, 스캐닝 시스템으로부터 입력된 상기 바이오 칩에 대한 타겟 샘플의 테스트 결과, 예컨대 혼성화 신호의 밝기(intensity) 결과 등을 읽는다.(702). 계속해서, 테스트 결과(혼성화 신호의 밝기)와 레이아웃 데이터를 연관시키고(704), QC 기준 DB, 예컨대 스왑 QC 기준 DB를 읽어서(706), QC 기준을 벗어나는 불량 스왑을 스크리닝하고(708), 판별 분석 알고리즘 DB를 읽어서(710), 이들 DB들에 근거하여 유전자형을 판별 분석(712)한 후, 이 판별 분석 결과를 저장한다(714). 이어서, 다른 돌연변이 위치가 있는가를 판단하여(713), 다른 돌연변이 위치가 있으면 706 내지 714 단계를 반복한다. 필요에 따라서(optionally), 돌연변이 DB, 기준 DB 및/또는 질병 DB 등의 기타 다른 DB와 비교 분석(716)하는 단계를 더 수행하고, 최종적으로 유전자 판별 분석 결과들을 디스플레이한다(718).

<39> 이상 본 발명을 바람직한 실시예들을 들어 상세하게 설명하였으나, 본 발명은 상기 실시예들에 한정되지 않으며, 본 발명의 기술적 사상 내에서 당 분야에서 통상의 지식을 가진 자에 의하여 여러 가지 변형이 가능함은 당연하다.

【발명의 효과】

<40> 본 발명에 따른 유전자형 판별 분석을 위한 서버-클라이언트 네트워크 시스템에 따르면 바이오 칩을 이용한 유전자형 판별 분석의 실용성을 향상시킬 수 있다. 환자 및 대조군에 대해 바이오 칩 테스트를 실시하여 유전자형 판별 분석 및 QC에 필요한 모수를 추출하여 클라이언트에서의 판별 분석에 이용한다. 따라서, 실제 테스트 결과가 누적되

면 이를 반영한 새로운 모수를 서버를 통해 배포함으로써 클라이언트에서의 판별 분석의 효율을 높일 수 있다.

<41> 그리고, 본 발명에 따른 서버-클라이언트 네트워크 시스템을 통해 보안 기능을 향상시킬 수 있다. 그 이유는 유전자형 판별 분석의 1 차적인 테스트 결과는 클라이언트에만 저장하고, 클라이언트는 판별 분석에 필요한 DB들을 서버에서 제공받아 판별 분석을 하기 때문이다.

<42> 또, 본 발명에 따른 서버-클라이언트 네트워크 시스템을 통해 편리성을 향상시킬 수 있다. 왜냐하면, 판별 분석에 필요한 최신의 정보를 서버에서 관리하고, 동일한 플랫폼에 다른 내용이 제공되는 칩에 대해서도 별도의 소프트웨어를 제공받을 필요가 없기 때문이다. 그리고 칩의 ID를 이용하여 자동으로 버전을 일치시킬 수 있으며, 누적된 판별 결과를 이용해서 지속적으로 판별 정확도를 향상시킬 수 있다.

<43> 나아가, GUI를 적절히 사용함으로써 사용 편리성을 향상시킬 수 있는 효과가 있다.

【특허청구범위】**【청구항 1】**

타겟 샘플에 대한 유전자형 판별 분석을 위한 서버-클라이언트 네트워크 시스템에 있어서,

상기 서버는 상기 유전자형 판별 분석에 필요한 데이터 베이스들을 포함하여 상기 데이터 베이스들을 상기 클라이언트에 제공하고,

상기 클라이언트는 상기 타겟 샘플에 대한 바이오 칩의 테스트 결과를 입력받고, 상기 서버로부터 상기 데이터 베이스들을 제공받아 상기 타겟 샘플에 대한 유전자형 판별 분석을 하는 것을 특징으로 하는 서버-클라이언트 네트워크 시스템.

【청구항 2】

제1 항에 있어서, 상기 데이터 베이스들은

상기 바이오 칩의 식별자 및 레이아웃 데이터 베이스;

상기 유전자형 판별 분석에 필요한 알고리즘 데이터 베이스; 및

품질 관리 기준 데이터 베이스를 포함하는 것을 특징으로 하는 서버-클라이언트 네트워크 시스템.

【청구항 3】

제 1항 또는 제 2항에 있어서, 상기 서버는 상기 바이오 칩에 대한 환자 및 대조군 샘플의 테스트 결과로부터 통계 데이터를 모아서 상기 데이터 베이스들을 확보하는 것을 특징으로 하는 서버-클라이언트 네트워크 시스템.

【청구항 4】

제 1항에 있어서, 상기 클라이언트는 상기 타겟 샘플에 대한 바이오 칩의 테스트 결과를 입력하기 위한 광학적 스캐닝 시스템과

상기 바이오 칩의 식별자를 입력하기 위한 식별자 인식 장치와 연결되어 있는 것을 특징으로 하는 서버-클라이언트 네트워크 시스템.

【청구항 5】

제 1항 또는 제 2항에 있어서, 상기 클라이언트는

상기 바이오 칩의 식별자를 검출하는 단계;

상기 식별자에 해당하는 상기 데이터 베이스들 버전을 선택하는 단계;

서버 모드와 로컬 복제 모드 중 어느 하나인 상기 데이터 베이스들 위치 모드를 선택하는 단계;

상기 로컬 복제 모드가 선택된 경우 식별자에 맞는 데이터 베이스들이 존재하는지를 판단하여 상기 데이터 베이스들을 상기 서버에서 다운로드하는 단계; 및

상기 로컬 복제 모드를 선택한 경우에는 상기 로컬 복제 데이터 베이스들을 이용하고, 상기 서버 모드를 선택한 경우에는 상기 서버의 원격 데이터 베이스들을 이용하여 판별 분석하는 단계를 포함하는 논리적인 단계들을 수행하는 엔진을 포함하는 것을 특징으로 하는 서버-클라이언트 네트워크 시스템.

【청구항 6】

제 5항에 있어서, 상기 판별 분석 단계는,

상기 바이오 칩의 상기 레이아웃 데이터 베이스를 읽는 단계;

상기 스캐닝 시스템으로부터 입력된 상기 타겟 샘플에 대한 상기 바이오 칩의 테스트 결과를 읽는 단계;

상기 테스트 결과를 상기 레이아웃 데이터 베이스의 스팟 위치와 연관시키는 단계;

상기 품질 관리 기준 데이터 베이스를 읽는 단계;

상기 품질 관리 기준 데이터 베이스에 근거하여 상기 스팟들 중 불량 스팟을 스크리닝하는 단계;

상기 판별 분석 알고리즘 데이터 베이스를 읽는 단계;

상기 판별 알고리즘 데이터 베이스에 근거하여 상기 타겟 샘플의 유전자형을 판별하는 단계; 및

상기 판별 분석 결과를 저장 및/또는 디스플레이하는 단계를 포함하는 것을 특징으로 하는 서버-클라이언트 네트워크 시스템.

【청구항 7】

서버-클라이언트 네트워크 시스템에 있어서, 상기 서버로부터 유전자형 판별 분석에 필요한 데이터 베이스들을 제공받는 단계; 및

상기 데이터 베이스들을 이용하여 타겟 샘플에 대한 바이오 칩의 테스트 결과를 판별 분석하여 상기 타겟 샘플의 유전자형을 판별 분석하는 단계를 포함하는 논리적인 단계들을 수행하기 위한 컴퓨터 실행 명령을 포함하는 클라이언트 기록 매체.

【청구항 8】

제 7항에 있어서, 상기 데이터 베이스들은

상기 바이오 칩의 식별자 및 레이아웃 데이터 베이스;
상기 유전자형 판별 분석에 필요한 알고리즘 데이터 베이스; 및
품질 관리 기준 데이터 베이스를 포함하는 것을 특징으로 하는 클라이언트 기록 매체.

【청구항 9】

제 8항에 있어서, 상기 데이터 베이스들을 제공받는 단계는
상기 바이오 칩의 식별자를 검출하는 단계;
상기 식별자에 해당하는 데이터 베이스들 버전을 선택하는 단계;
서버 모드와 로컬 복제 모드 중 어느 하나인 상기 데이터 베이스들 위치 모드를 선택하는 단계; 및
상기 로컬 복제 모드가 선택된 경우 상기 식별자에 맞는 데이터 베이스들이 존재하는지를 판단하여 상기 데이터 베이스들을 상기 서버에서 다운로드하는 단계를 포함하는 논리적인 단계들을 포함하고,
상기 판별 분석 단계는,
상기 로컬 복제 모드를 선택한 경우에는 상기 로컬 복제 데이터 베이스들을 이용하고, 상기 서버 모드를 선택한 경우에는 상기 서버의 원격 데이터 베이스들을 이용하여 상기 바이오 칩의 레이아웃 데이터 베이스를 읽는 단계;
상기 스캐닝 시스템으로부터 입력된 상기 타겟 샘플에 대한 상기 바이오 칩의 테스트 결과를 읽는 단계;

상기 테스트 결과를 상기 레이아웃 데이터 베이스의 스팟 위치와 연관시키는 단계;

상기 품질 관리 기준 데이터 베이스를 읽는 단계;

상기 품질 관리 기준 데이터 베이스에 근거하여 상기 스팟들 중 불량 스팟을 스크리닝하는 단계;

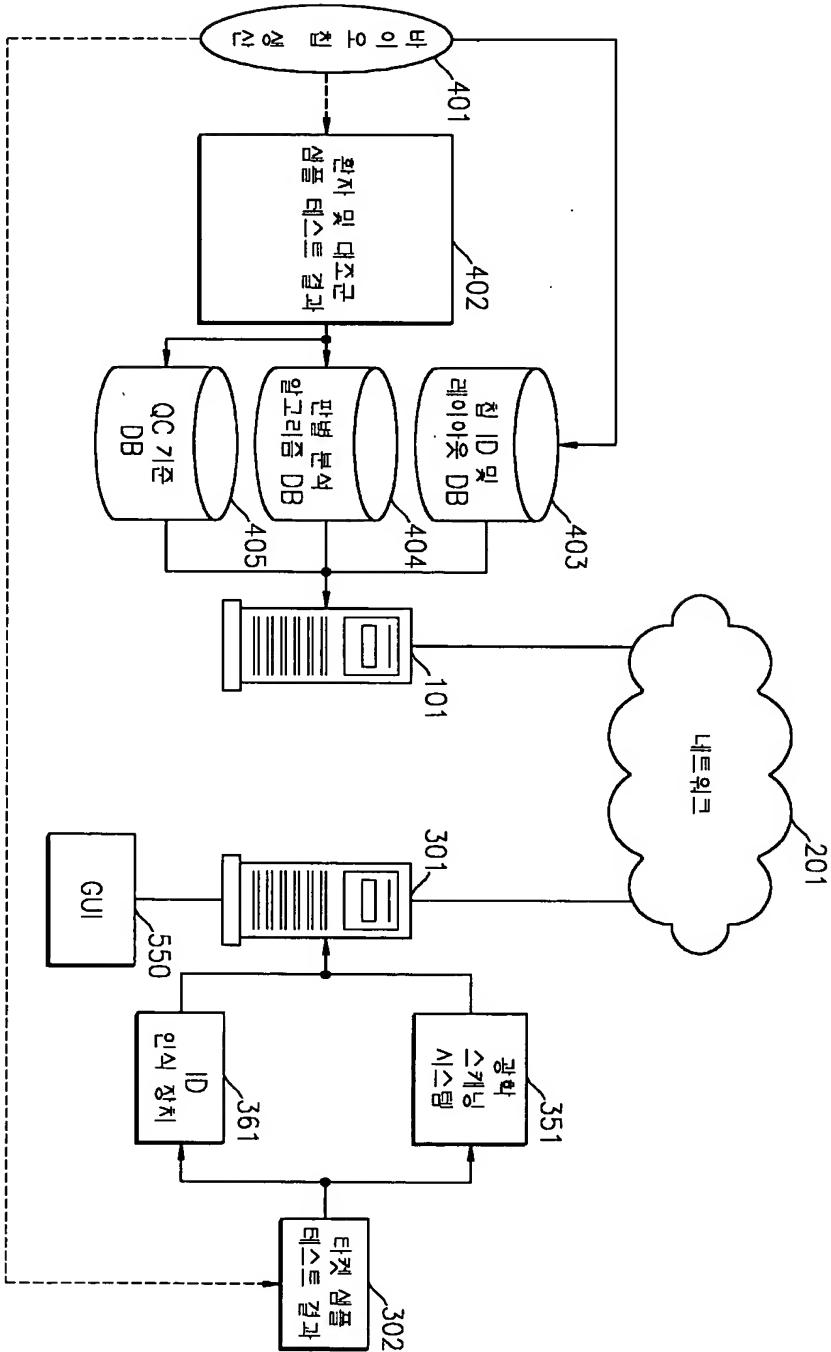
상기 판별 분석 알고리즘 데이터 베이스를 읽는 단계;

상기 판별 분석 알고리즘 데이터 베이스에 근거하여 상기 타겟 샘플의 유전자형을 판별하는 단계; 및

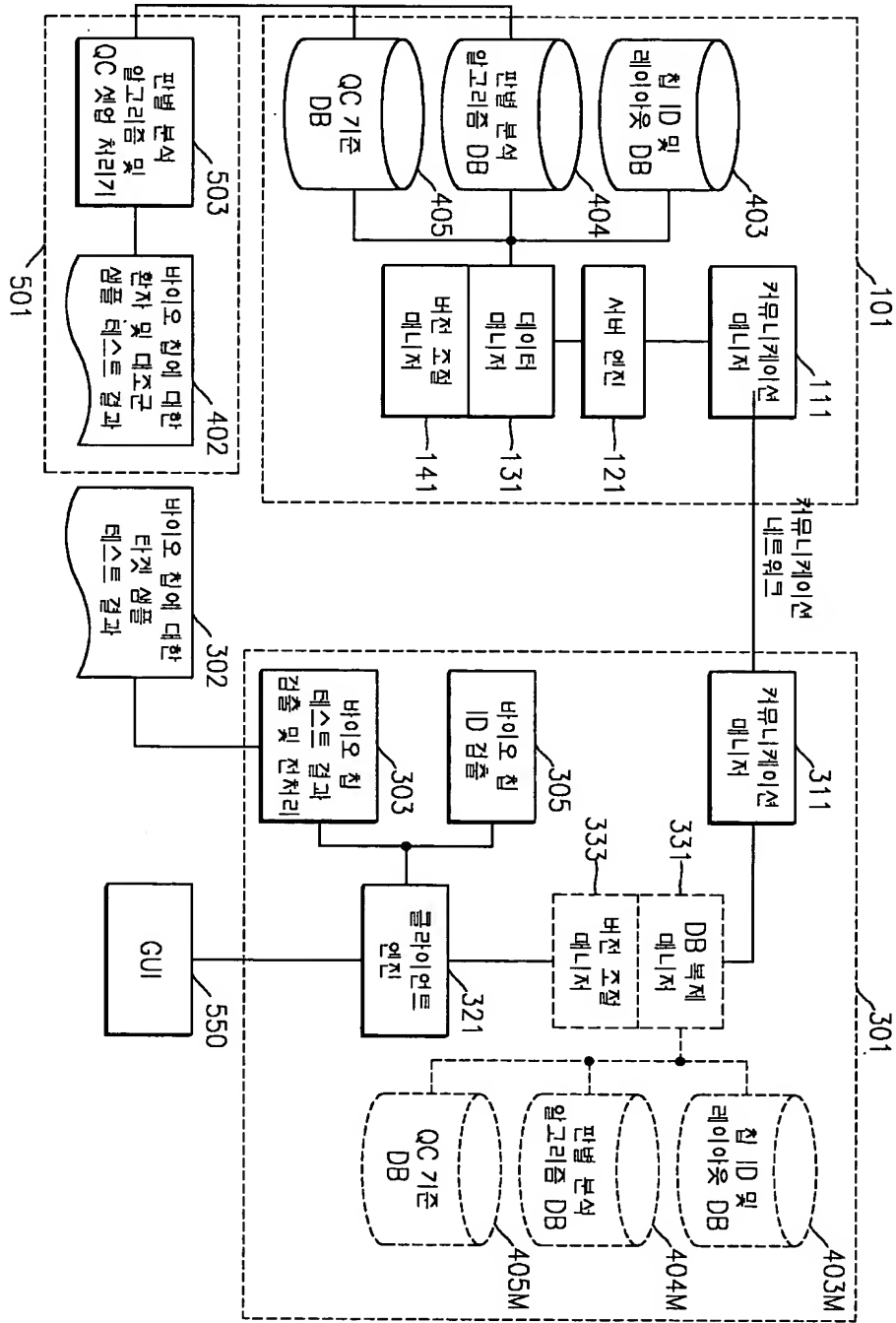
상기 판별 분석 결과를 저장 및/또는 디스플레이하는 단계를 포함하는 논리적인 단계들을 포함하는 것을 특징으로 하는 클라이언트 기록 매체.

【도면】

【도 1】



【도 2】



【도 3】

칩 ID	스팟 위치 일련번호	어레이상의 블록 #	열	행	프로브형	돌연변이 위치
SM30001.1	91	1	7	24	정상형	23
	92	1	8	24	정상형	23
	93	1	9	24	정상형	23
	94	1	10	24	돌연변이형	23
	95	1	11	24	돌연변이형	23
	96	1	12	24	돌연변이형	23
	97	2	1	24	정상형	24
	98	2	2	25	정상형	24
	99	2	3	25	정상형	24
	100	2	4	25	돌연변이형	24
	101	2	5	25	돌연변이형	24

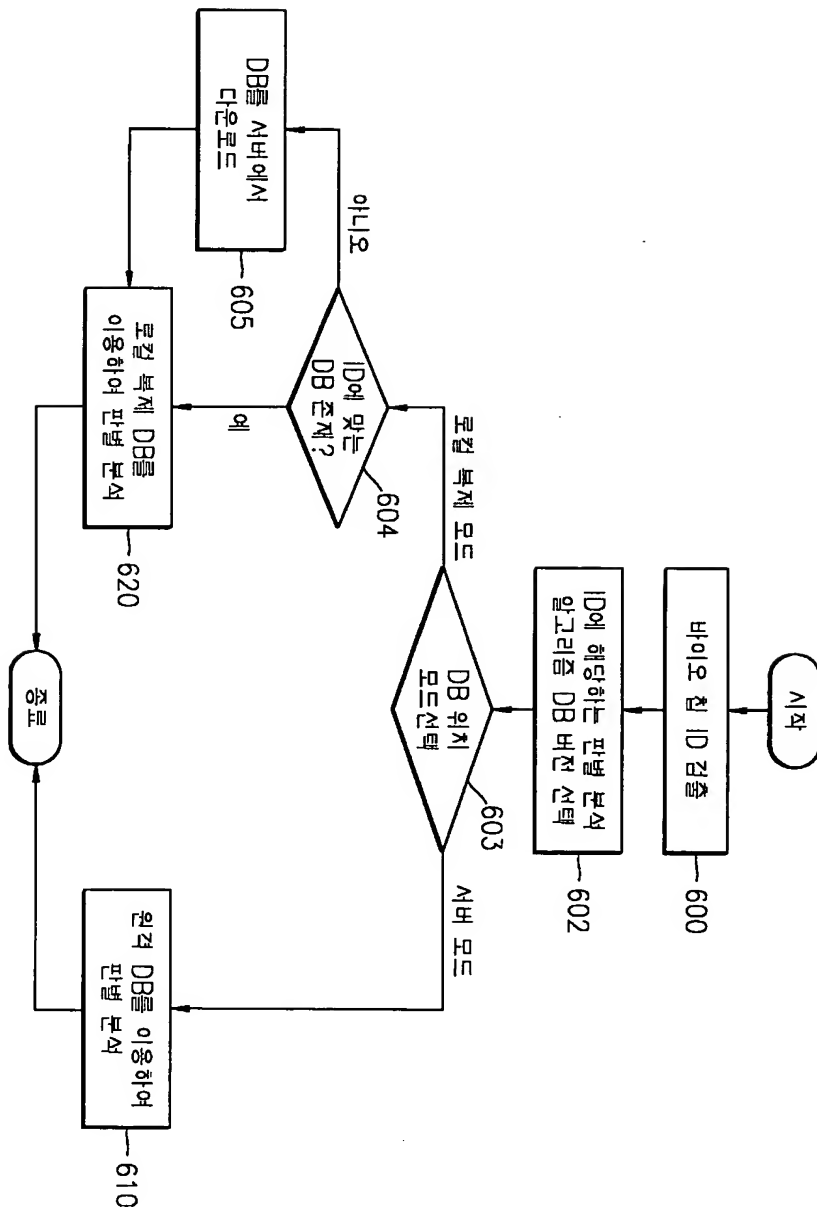
【표 4】

m_위치	상관계수	t_타입 1	wx	wy	t_타입 2	wx	wy	X	Y	람다_x	람다_y
1	상수	정상	-2.2054	-2.2054	돌연변이	-10.386	-10.386	8.18034	8.18034	0.5	0.5
1	선형	정상	8.38639	-4.0884	돌연변이	10.5848	-2.3417	-2.1984	-1.7466	0.5	0.5
1	x	정상	-7.2166	6.92748	돌연변이	-2.6991	1.87114	-4.5175	5.05633	0.5	0.5
1	y	정상	6.92748	-9.6528	돌연변이	1.87114	-6.126	5.05633	-3.5268	0.5	0.5
2	상수	정상	-0.329	-0.329	돌연변이	-1.2346	-1.2346	0.90563	0.90563	0.5	0.5
2	선형	정상	2.54355	-0.1937	돌연변이	-0.2772	5.9485	2.82075	-6.1422	0.5	0.5
2	x	정상	-12.053	12.8273	돌연변이	-10.686	14.0068	-1.3662	-1.1795	0.5	0.5
2	y	정상	12.8273	-14.723	돌연변이	14.0068	-21.039	-1.1795	6.31534	0.5	0.5
3	상수	정상	-12.057	-12.057	돌연변이	-3.4063	-3.4063	-8.6505	-8.6505	0.5	0.5
3	선형	정상	1.40377	7.74246	돌연변이	7.60619	-3.7755	-6.2024	11.5179	0.5	0.5
3	x	정상	-2.655	2.63033	돌연변이	-7.0406	7.39419	4.38559	-4.7639	0.5	0.5
3	y	정상	2.63033	-4.2595	돌연변이	7.39419	-9.4748	-4.7639	5.21524	0.5	0.5
4	상수	정상	-7.9608	-7.9608	돌연변이	-24.046	-24.046	16.0848	16.0848	1	1
4	선형	정상	0.89124	-0.0589	돌연변이	4.16561	-1.1073	-3.2744	1.04839	1	1
4	x	정상	-0.0984	0.06383	돌연변이	-0.2973	0.16797	0.19893	-0.1041	1	1
4	y	정상	0.06383	-0.0646	돌연변이	0.16797	-0.1475	-0.1041	0.08288	1	1
5	상수	정상	-7.3549	-7.3549	돌연변이	-3.5037	-3.5037	-3.8512	-3.8512	0.5	0
5	선형	정상	17.4567	-15.381	돌연변이	3.58938	10.194	13.8673	-25.575	0.5	0
5	x	정상	-11.13	13.6255	돌연변이	-2.5341	1.9473	-8.596	11.6782	0.5	0
5	y	정상	13.6255	-20.451	돌연변이	1.9473	-12.287	11.6782	-8.1645	0.5	0

【표 5】

칩 ID	연변이 위치	검지점 유효값 인계치	검지점 유효값 인계치
SM30001.1	23	303	25192
	24	352	8925

【도 6】



【도 7】

